



CARTOGRAPHIE ET DÉVELOPPEMENT DE MARQUEURS LIÉS AU GÈNE DE RÉSISTANCE À LA SEPTORIOSE *STB16Q* EN VUE DE SON CLONAGE

❖ Partenariat

Le projet de recherche est mené par Florimond Desprez (coordinateur), l'INRA, ARVALIS - Institut du végétal, R2n, Plant Research International et USDA-ARS.

❖ Fonds engagés

Les fonds engagés pour ce programme de 3 ans sont de 500 000 € dont 350 000 € d'aide FSOV.

❖ Contexte

Seulement 18 gènes de résistance spécifique à la septoriose (*M. graminicola*) ont été identifiés et seuls les gènes *Stb5*, *Stb16q*, *Stb17* et *Stb18* présentent encore une efficacité intéressante face à ce parasite. Si ces gènes ont un intérêt en sélection, les marqueurs moléculaires liés à *Stb16q* sont malheureusement trop éloignés du gène pour que ce gène soit facilement utilisable en sélection. C'est pourquoi, ce programme, propose d'identifier de nouveaux marqueurs plus étroitement liés à *Stb16q*.

❖ Objectifs

L'objectif principal de ce programme est d'identifier de nouveaux marqueurs moléculaires étroitement liés au gène *Stb16q*.

Comme ce gène a pour origine un blé synthétique, des blés synthétiques, des apparentés ou dérivés seront également testés pour vérifier si des sources de résistance à la septoriose autres que *Stb16q* sont présents dans ce matériel.

De plus, afin d'améliorer l'efficacité des tests de résistance à la septoriose (effectués au stade juvénile en conditions contrôlées), l'objectif est de développer des isolats multi-virulents qui permettront d'identifier, avec une meilleure efficacité, de nouveaux gènes de résistance.

❖ Mise en place

La stratégie pour identifier de nouveaux marqueurs du gène *Stb16q* consiste à :

- Effectuer un premier tri de marqueurs potentiels (carte consensus, nouveaux marqueurs SNP) par génotypage et phénotypage d'une population d'environ 200 lignées HD de façon à réduire facilement et rapidement l'intervalle génétique entre les marqueurs flanquant le gène,
- Produire, à génotyper et à phénotyper la résistance à la septoriose d'une population F2 composée d'au moins 16 000 plantes pour cartographier finement ces marqueurs,
- Exploiter la carte physique d'*Ae. tauschii*, et les séquences des génomes de riz et de *Brachypodium* afin d'identifier de nouveaux marqueurs physiquement proches de *Stb16q*.

Pour la création d'isolats multivirulents, ces isolats seront obtenus par croisement d'isolats combinant un grand nombre de virulences complémentaires. Ces isolats n'existant pas naturellement, ils seront obtenus et manipulés dans des conditions de sécurité biologique.



❖ Résultats obtenus ou escomptés

- L'identification de nouveaux marqueurs moléculaires totalement liés au gène *Stb16q* facilement utilisables en sélection. Ces marqueurs seront soit physiquement très proche du gène, soit dans le gène.
- La création de nouveaux isolats de septoriose "multi-virulents" cumulant un maximum de virulence pour améliorer l'efficacité des tests de résistance effectués en conditions contrôlées.

❖ Pistes de recherche pour le futur

L'identification de la séquence d'ADN du gène de résistance *Stb16q* et la compréhension du mode d'action du gène.

❖ Impact et bénéfices du programme de recherche

• Pour les sélectionneurs :

Identifier de nouveaux marqueurs liés au gène de résistance *Stb16q* qui permettront au sélectionneur d'utiliser facilement ce gène dans son programme de sélection.

• Pour les agriculteurs :

La possibilité d'utiliser des variétés ayant une nouvelle source de résistantes à la septoriose.

■ Coordinateur du projet ■

Olivier ROBERT – Florimond Desprez

■ Partenaires ■

Thierry LANGIN – INRA

Delphine HOURCADE-MARCOLLA – ARVALIS - Institut du végétal

Laure DUCHALAIS – RAGT 2n SAS

Gert KEMA – Plant Research International

Justin FARIS – USDA-ARS